

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA**

**ANTONIO NARRO**

**DIVISIÓN DE AGRONOMÍA**



**COMBINACIÓN DE LÍNEAS PÚBLICAS, DERIVADAS DE  
HÍBRIDOS Y PROPIAS DEL PROGRAMA, PARA FORMAR  
HÍBRIDOS TRIPLES**

Por:

**CÉSAR ZAVALA PLIEGO**

**TESIS**

Presentada como Requisito Parcial para

Obtener el Título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México

**Mayo del 2011**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**DIVISIÓN DE AGRONOMÍA**

**COMBINACIÓN DE LÍNEAS PÚBLICAS, DERIVADAS DE  
HÍBRIDOS Y PROPIAS DEL PROGRAMA, PARA FORMAR  
HÍBRIDOS TRIPLES**

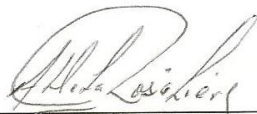
**TESIS POR:**

**CÉSAR ZAVALA PLIEGO**

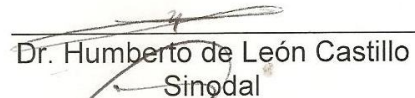
Que somete a la consideración del H. Jurado Examinador como requisito  
para obtener el título de:

**INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN**

Aprobada por:



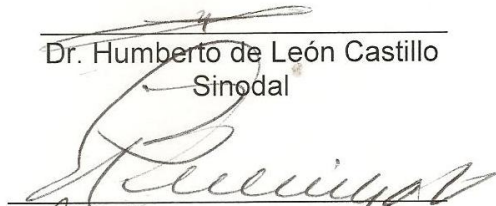
Dr. Alfredo de la Rosa Loera  
Asesor principal



Dr. Humberto de León Castillo  
Sinodal




M.C. Daniel Sámano Garduño  
Sinodal



Ing. Gustavo Alfonso Burciaga Vera  
Sinodal



Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo  
Coordinador de la División de Agronomía



Coordinación  
División de Agronomía

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Mayo del 2011

## AGRADECIMIENTOS

*A Dios por darme la dicha de existir en este mundo, gracias por iluminarme y permitirme llegar a este momento tan importante para mí y para todos mis seres queridos.*

*A mi Alma Mater por cobijarme durante toda mi estancia y brindarme las herramientas necesarias para salir a delante.*

*Al Dr. Humberto de León Castillo por darme la oportunidad de realizar este trabajo de tesis y permitirme aprender de sus conocimientos, siempre estaré agradecido con usted.*

*Al M.C. Daniel Sámano Garduño por la realización y revisión de este trabajo, por brindarme su apoyo y amistad incondicional, siendo usted un gran ejemplo.*

*Al Dr. Alfredo de la Rosa Loera por ser un gran amigo y maestro, gracias por los buenos consejos y todo el apoyo brindado.*

*Al Ing. Gustavo Burciaga Vera por su participación en este trabajo.*

*A todos mis compañeros y amigos de generación en especial aquellos con los que he compartido grandes momentos de alegrías y tristezas, José Bernabé Pérez, Ricardo Bobadilla y Ana Luisa Gómez, gracias por brindarme su amistad incondicional.*

*A mis amigos que siempre me apoyaron y estuvieron conmigo en las buenas y en las malas, Licet Muñoz, Rubén Ramírez (primo), Ezequiel Guevara (cheque), Mayra, Genaro y Lázaro gracias por todo el apoyo brindado, siempre estaré en deuda con ustedes.*

*Por último agradezco a todas aquellas personas que en su momento me brindaron su apoyo y amistad incondicional maestros, Ingenieros, trabajadores y demás compañeros que de alguna manera hicieron más amena mi estancia en esta Universidad. Muchas gracias.*

## DEDICATORIA

*Este trabajo lo dedico a las personas que me dieron la vida y que son el motor de mi existencia.*

*A mi madre, Guadalupe Pliego Ramírez, gracias por todo tu amor, tus consejos y regaños que hicieron de mí una persona de provecho, gracias por creer en mí, nunca tendré con que pagar todo tu esfuerzo y sacrificio de madre, que dios te bendiga.*

*A mi padre, Venancio Zavala Amacende, gracias por todo tu apoyo, tu esfuerzo y trabajo para sacarnos a delante a mí y mis hermanos, gracias por tu confianza y darme tu mejor herencia que ha sido el estudio, que dios te bendiga.*

*A mis hermanos: Néstor Zavala Pliego y Lizbeth Zavala Pliego por ser parte de este camino y compartir conmigo alegrías y tristezas los quiero mucho.*

*A el resto de mi familia por el apoyo moral que siempre me brindaron y a todas aquellas personas que creyeron en mí, muchas gracias.*

## ÍNDICE DE CONTENIDO

---

	Pág.
<b>ÍNDICE DE CUADROS</b> .....	viii
<b>ÍNDICE DE FIGURAS</b> .....	ix
<b>I. INTRODUCCIÓN</b> .....	1
1.1 Objetivos.....	3
1.2 Hipótesis.....	3
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA</b> .....	4
2.1 Hibridación.....	4
2.2 Estabilidad.....	5
2.3 Índices de Selección.....	6
2.4 Aptitud combinatoria.....	7
2.5 Interacción genotipo ambiente.....	9
2.6 Gráficos biplot.....	11
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS</b> .....	13
3.1 Material genético.....	13
3.2 Descripción de los ambientes de evaluación.....	14
3.3 Fechas de siembra y descripción de la parcela experimental.....	14
3.4 Labores culturales.....	14
3.5 Variables agronómicas evaluadas.....	15

3.6	Rendimiento ajustado por covarianza.....	18
3.7	Análisis de varianza de 12 variables agronómicas.....	19
3.8	Grafico biplot del modelo AMMI.....	19
3.9	Índices de selección de ponderación libre.....	21
3.10	Análisis de varianza.....	23
3.11	Análisis de regresión en los sitios (SREG).....	24
3.12	Análisis línea por probador.....	25
3.13	Criterios de selección.....	27
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....</b>		<b>28</b>
4.1	Análisis de varianza de 83 híbridos para 12 variables.....	28
4.2	Interacción híbrido por localidad a través del modelo AMMI.....	31
4.3	Selección de híbridos a través de IS y estabilidad usando el modelo SREG.....	34
4.4	Análisis de varianza de línea por probador.....	37
<b>V. CONCLUSIONES.....</b>		<b>41</b>
<b>VI. RESUMEN.....</b>		<b>42</b>
<b>VII. LITERATURA CITADA.....</b>		<b>44</b>
<b>VIII. APÉNDICE.....</b>		<b>49</b>

## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro		Pág.
3.1	Situación geográfica y características climáticas de las localidades de evaluación.....	13
4.1	Cuadros medios del análisis de varianza combinado a través de localidades de 83 híbridos triples para 12 variables agronómicas.....	30
4.2	Cuadros medios del análisis de varianza combinado a través de localidades de 83 híbridos triples con valores de IS.....	33
4.3	Cuadros medios del análisis de varianza línea por probador con valores de IS.....	37
4.4.	Líneas que mostraron mejor ACG a través de valores estimados de índice de selección.....	39
4.5	Probadores con mejor ACG a través de valores estimados de índice de selección.....	40
A1	Genealogía de los híbridos experimentales y testigos.....	50
A2	Genealogía de líneas.....	52
A3	Genealogía de probadores.....	52
A4	Prueba de medias Tukey de híbridos en relación a índices de selección.....	53
A5	Metas e intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable de la evaluación realizada.....	54
A6	Valores de índices de selección por híbrido.....	54



## ÍNDICE DE FIGURAS

---

<b>Figura</b>		<b>Pág.</b>
<b>4.1</b>	Biplot AMMI para observar los patrones de la interacción híbrido por variable .....	31
<b>4.2</b>	Biplot GGE. Patrón de respuesta de IS para híbridos experimentales y testigos.....	35
<b>4.2A</b>	Proyección de la Figura 4.1 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos triples más estables a través de las localidades.....	36

## I. INTRODUCCIÓN

El maíz es uno de los principales alimentos en la dieta del mexicano y es cultivado en casi todo el territorio, de este cultivo se deriva una gran cantidad de productos, sin embargo existe factores bióticos y abióticos que perjudican la calidad y cantidad de producción, por tal motivo es necesario desarrollar métodos que permitan luchar contra dichos factores.

En la actualidad, el mejoramiento genético es una herramienta que ha permitido modificar el comportamiento de los cultivos, desarrollando materiales de mayor calidad, resistentes a plagas y enfermedades, pero sobre todo con alto potencial de rendimiento a bajo costo satisfaciendo de esta manera las necesidades de los productores.

Los programas de mejoramiento han permitido el desarrollo de nuevos híbridos de buen comportamiento agronómico, con potencial de rendimiento y estabilidad, sin embargo para lograr esto es necesaria la evaluación de los híbridos en ambientes representativos para poder seleccionar aquel que muestre tener las características antes mencionadas.

Un factor determinante en la selección de nuevos híbridos es el germoplasma utilizado, así como su la estabilidad, además del excelente comportamiento agronómico, para ello se han desarrollado métodos que permiten mejorar dichas características de manera simultánea como es el caso

de índices de selección, otra herramienta es el modelo AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) el cual permite analizar los efectos de Interacción Genotipo Ambiente (IGA) y el modelo SREG que además de considerar la IGA incluye el efecto genético y la estabilidad, todo esto mediante gráficos biplot.

En el presente trabajo de investigación se plantea seleccionar híbridos triples a través de índices de selección (IS) el cual permiten separar genotipos con base en la consideración simultánea de varios caracteres; además se pretende encontrar líneas y probadores con los mejores efectos genéticos de aptitud combinatoria general (AGG) para IS a través del análisis de línea por probador.

## OBJETIVOS.

- Identificar híbridos experimentales con buen comportamiento agronómico y estabilidad auxiliado por las herramientas de índices de selección (IS) y el gráfico generado por el modelo de regresión de los sitios.
- Seleccionar las mejores líneas y probadores en relación a efectos genéticos de ACG para el valor estimado de índice de selección.

## HIPÓTESIS.

- Se asume que al menos uno de los híbridos experimentales en evaluación tendrá buen comportamiento agronómico y estabilidad.
- Al menos una línea y un probador tendrán mejores efectos genéticos para el valor estimado de índice de selección.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### HIBRIDACIÓN

La hibridación en maíz se considera como un método genotécnico que tiene como objetivo principal el aprovechamiento de la generación  $F_1$  (híbrido) provenientes del cruzamiento entre dos progenitores (P1 y P2) con cualquier estructura genotípica, las cuales pueden ser líneas endogámicas, variedades de polinización libre, variedades sintéticas o poblaciones  $F_1$  en el caso de las cruzas dobles (Márquez, 1988).

Bernis *et al.* (2004) expresan que el propósito fundamental de la hibridación es tener un sólo genotipo que posea genes favorables, proveniente de la cruce de dos o más genotipos diferentes.

Paterniani (1990) considera que las etapas más importantes en la investigación y desarrollo de híbridos son: 1) endocria de los cultivares de polinización abierta o de poblaciones  $F_2$  para desarrollar líneas puras; 2) evaluación de las líneas por su habilidad combinatoria; 3) combinación de las mejores líneas para la producción de distintos tipos de híbridos; y 4) prueba e identificación de híbridos superiores para su uso por los agricultores.

Técnicamente, un híbrido es la primera generación  $F_1$  de un cruzamiento entre dos genotipos claramente diferentes; normalmente se producen

numerosos tipos de híbridos para combinar diferentes caracteres de los distintos genotipos. El híbrido  $F_1$  es usado para la producción comercial, por lo que debe mostrar un razonable alto grado de heterosis para que el cultivo y su producción sean económicamente viables (Paliwal, 1986).

## **ESTABILIDAD**

Everson *et al.* (1978) definieron estabilidad como el comportamiento de un genotipo con respecto a aquellos factores del ambiente que varían de una localidad a otra, estableciendo que mientras más estable es un genotipo, menos sensitivo es su comportamiento a los cambios ambientales dentro de una determinada localidad, y cada genotipo alcanza su máximo comportamiento biológico en un ambiente particular que puede determinarse como óptimo.

Por su parte, Laing (1978) definió la "estabilidad" como el comportamiento relativo de un cultivar (genotipo) ante las variaciones de las condiciones ambientales a través del transcurso del tiempo en cualquier localidad. Eberhart y Russell (1966) consideraron que los genotipos estables son aquellos que presentan una baja interacción con los ambientes en el cual se desarrollan.

Córdova *et al.* (1991) expresa que la aplicación de modelos donde se estiman parámetros de estabilidad que identifican el comportamiento de los cultivares a través de diversos ambientes, contribuye a la selección apropiada de los genotipos.

Castañón *et al.* (2000) en una investigación utilizó el modelo AMMI para evaluar la estabilidad de híbridos experimentales a través de variables agronómicas de interés, considerando este modelo como una herramienta útil para selección de material experimental con mayores posibilidades de éxito.

Córdova *et al.* (1992) menciona que los modelos de Eberhart y Russell y AMMI coinciden en 40% de los casos para identificar híbridos estables. Este mismo autor, comenta que la aplicación de modelos donde se aplican parámetros de estabilidad que identifican el comportamiento de los cultivares a través de diversos ambientes contribuyen a la selección apropiada de los genotipos.

## **ÍNDICES DE SELECCIÓN**

Un Índice de selección es una metodología utilizada para hacer selección de manera simultánea para varias características, la cual toma en consideración además de los aspectos genéticos, la importancia económica de las características involucradas (Yáñez, 2005).

Por otra parte, Restrepo *et al.* (2008) definen el índice de selección como un método de puntaje total en el cual se desarrolla una ecuación que da valores óptimos a la importancia económica de cada característica, de manera que permite separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres y estableciendo niveles mínimos de aceptación y el descarte de los individuos que estén por debajo de ellos.

Cerón *et al.* (2005) expresa que en la actualidad existen varios métodos para el mejoramiento genético simultáneo de varios caracteres, y los tres de mayor importancia son: selección en tándem, selección simultánea de caracteres independientes e índice de selección (IS). Los índices de selección permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres.

Barreto *et al.* (1991) desarrollaron un modelo para estimar índices de selección el cual se basa en una fórmula que requiere de dos parámetros importantes: la intensidad, que es el valor económico asignado a cada variable y la meta, que va a estar en función a la media y la desviación estándar de cada variable que equivale a la presión de selección aplicada para la variable en cuestión.

Morales *et al.* (2005) mencionan que al considerar el valor de IS como un parámetro, que incluye un conjunto de datos de diversas características, ya sea que se utilicen valores fenotípicos o genotípicos, esta herramienta resulta ser confiable al llevar a cabo selección de germoplasma para el desarrollo de nuevos híbridos.

## **APTITUD COMBINATORIA**

La aptitud combinatoria es la capacidad que tiene un individuo o una población de interactuar con otros, la cual deberá ser evaluada por su descendencia. Esta capacidad no deberá determinarse en un sólo individuo de la población sino en varios, con el objetivo de poder realizar selección en aquellos que muestren mayor efecto de aptitud combinatoria (Márquez, 1988).



Morata *et al.* (2006) mencionan que la ACG está relacionada a factores genéticos con efecto aditivo y la ACE a factores genéticos con efecto no aditivo (dominancia y epistasis). Ambos parámetros se estiman a partir de cruzas dialélicas. Estos autores realizaron un experimento en el que evaluaron líneas utilizando el método 4 modelo I de Griffing, con el objetivo de determinar la aptitud combinatoria general y específica para rendimiento. Los resultados que obtuvieron fue que los híbridos formados con mayores efectos de ACG y ACE podrían ser utilizados como compuestos incrementando la variabilidad del germoplasma o para la formación de híbridos comerciales.

Guillen *et al.* (2009) evaluaron poblaciones de maíz tropical para rendimiento, utilizando el método II de Griffing, con la finalidad de estimar la ACG de las poblaciones y la ACE de las cruzas; por lo que encontraron que los efectos no aditivos fueron el componente principal en la expresión del rendimiento. Estos autores recomiendan utilizar poblaciones que expresen mayor ACG para la obtención de variedades sintéticas. Asimismo, las cruzas que demuestren mejor comportamiento de ACE para la formación de híbridos.

Por otra parte, Ávila *et al.* (2009) coinciden que al realizar un estudio para determinar efectos de ACG y ACE así como efectos recíprocos en el rendimiento empleando el método I de Griffing. De misma manera estos autores mencionan que los efectos no aditivos son de mayor relevancia en el rendimiento de grano, así como en días a floración masculina y longitud de mazorca, en tanto los efectos aditivos fueron de importancia solo en altura de planta.

Reyes *et al.* (2004) realizaron un experimento para estimar parámetros genéticos de maíz Tuxpeño, así como efectos de ACG y AGE de líneas S<sub>1</sub>

utilizando el método cuatro de Griffing. Los resultados obtenidos de esta investigación demostró que la varianza genética aditiva resulto cinco veces mayor que la varianza genética de dominancia, aunque estos autores indican que tanto los efectos aditivos como los de dominancia son importantes en la expresión genética del rendimiento.

Sierra *et al.* (2000) señalan que las líneas pueden ser usadas en la formación de nuevos híbridos. Más sin embargo afirman que es necesario realizar pruebas que permitan discriminar estas líneas en base a su buena ACG y ACE, así como su comportamiento *per-se* ya sea para rendimiento, adaptación o producción de su semilla.

Vergara *et al.* (2005) realizó una investigación utilizando un análisis de línea por probador para estimar efectos de ACG y ACE, dicho trabajo estuvo conformado por líneas elite S<sub>6</sub>-S<sub>10</sub> provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), las cuales fueron cruzadas con líneas desarrolladas por el Instituto Mexicano del Maíz (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) utilizadas como probador. Los autores encontraron que las combinaciones heteróticas de dichos materiales pueden ser utilizados para desarrollar nuevos híbridos y al mismo tiempo incorporar germoplasma del CIMMYT a los material derivados por el IMM.

## **INTERACCIÓN GENOTIPO AMBIENTE**

El estudio del Genotipo (G), el Ambiente (E), así como la interacción de ambos (G + GE), se ha incrementado en los últimos años por los fitomejoradores y otros investigadores agrícolas; por tal motivo se han desarrollado métodos que permiten su estudio, como son: el método AMMI

(Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) propuesto por Zobel *et al.* (1988) y el modelo de análisis de regresión en los sitios (SREG) propuesto por Yan *et al.* (2000) también conocido como grafica GGE.

Gordon *et al.* (2006) mencionan que la evaluación de genotipos en ambientes contrastantes permiten la recomendación a los productores de nuevos materiales para una región o zona específica; de manera que es necesario clasificar estos genotipos ya sea por su adaptabilidad, lo cual quiere decir que solo aprovechan favorablemente el estímulo del ambiente, o estabilidad que además de aprovechar el estímulo permiten ajustarse a las condiciones ambientales manteniendo siempre su productividad.

Williams *et al.* (2010) comentan que el modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) permite analizar a detalle los efectos de IGA (interacción genotipo ambiente), siendo indispensable esta evaluación para rendimiento de cualquier cultivo, de tal manera que se pueda explotar su capacidad de adaptación amplia como específica, dando como resultado mayor eficiencia en la selección de genotipos para una región en particular.

Por otra parte, Córdova (1991) mediante un estudio que realizó, menciona que es de gran importancia evaluar la interacción genotipo-ambiente de los cultivares, debido a que su comportamiento puede cambiar en ambientes contrastantes.

Dicho estudio consistió en evaluar 36 híbridos de maíz en 15 ambientes utilizando los modelos AMMI (efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) y Eberhart y Russell, para estimar la estabilidad de los materiales,

siendo este el principal objetivo. El modelo AMMI resulto ser más eficiente para la identificación de genotipos estables debido a que facilita entender la IGA, así como estimaciones de rendimiento más precisas, lo cual hace posible que las recomendaciones de variedades sean más confiables y además permite un mejor progreso en programas de mejoramiento.

La interacción genotipo ambiente se origina como consecuencia de la inestabilidad de los genotipos en los diferentes ambientes, es por eso que resulta de gran importancia cuantificar e interpretar la magnitud de este componente (Ibáñez, 2006), uno de los objetivos de este estudio fue evaluar la variabilidad de los genotipos, además determinar el patrón de respuesta entre los híbridos y ambientes. Para tener una apreciación más clara de su comportamiento, y poder determinar que genotipo fue el mejor en todos los ambientes, cual tuvo mejor comportamiento en un ambiente en particular, que ambiente discrimina mejor, todo esto a través de valores estimados de IS.

## **GRAFICOS BILOT**

El modelo de regresión de los sitios (SREG) permite el análisis de ensayos comparativos de rendimiento en multiambientes, principalmente si el ambiente (E) es la variación más importante con respecto a la aportación del genotipo (G), así como la interacción de ambos (GE); dicho modelo incluye un análisis bilineal G+GE, proporcionando un grafico del comportamiento (rendimiento y estabilidad) de los genotipos llamado biplot GGE, el cual permite identificar el genotipo con mayor potencial en cada ambiente y al mismo tiempo agrupar genotipos y ambientes con patrones de respuesta similar (Ibáñez *et al.* 2006).

Rodríguez *et al.* (2005) en una investigación para caracterizar las áreas de producción de trigo de temporal en México para rendimiento, analizaron 7 variedades comerciales evaluadas en 50 ambientes, en 24 localidades de 10 estados. Los resultados obtenidos de este estudio fueron comparados con cuatro métodos de análisis multiplicativo para analizar la interacción genotipo ambiente: 1) agrupamiento sin transformación de datos, 2) agrupamiento con datos estandarizados dentro de ambientes, 3) análisis AMMI, 4) análisis SREG; siendo este último el método con mayores ventajas, permitiendo analizar tanto la IGA como el análisis de sectores en la gráfica de componentes principales.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### MATERIAL GÉNETICO

El material genético para el presente trabajo de investigación estuvo formado por 83 híbridos, de los cuales 81 son experimentales y 2 testigos comerciales AN-457 y PUMA. Los híbridos experimentales se originaron por el cruzamiento de 47 líneas con diferente grado de endogamia de las cuales 11 corresponden a líneas públicas; 18 son derivadas de híbridos comerciales y 18 pertenecen al programa del IMM, con 8 cruza simples de los cuales 3 pertenecen al grupo enano y 5 al normal utilizadas como probadores, dichos cruzamientos se llevaron a cabo en el campo experimental “Dr. Mario Castro Gil” de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro, ubicado en el municipio de Tepalcingo, Morelos en el ciclo Otoño-Invierno 2007-2008.

Los híbridos experimentales y testigos, fueron evaluados en tres ambientes: Celaya, Gto., El Prado, N. L. durante el ciclo Primavera-Verano 2008 y El Prado, N. L, en el ciclo Primavera-verano 2009. Las características de estas localidades se muestran en el Cuadro 3.1

**Cuadro 3.1** Situación geográfica y características climáticas de las localidades de evaluación.

Localidad	Latitud Norte	Longitud Oeste	Altura (msnm)	Temp. Media Anual °C	Precipitación Pluvial (mm)
Celaya Gto.	20°32'	100°49'	1754	21	597
El Prado N.L.	24°12'	100°05'	1890	18	300

FUENTE: INEGI 2003

## **Descripción de los ambientes Fechas de siembra y descripción de la parcela experimental**

La siembra de dichos materiales se realizó de forma manual depositando dos semillas por golpe, bajo un diseño de bloques incompletos mediante un arreglo alfa-latice con dos repeticiones por localidad.

La parcela experimental consistió en surcos con 35 plantas de 5 metros de longitud y 0.75 metros de ancho para la localidad de Celaya Gto., para El Prado N. L. en ambos años el ancho del surco fue de 0.92 metros.

Las fechas de siembra de los materiales en las diferentes localidades fueron las siguientes: Celaya Gto. 23 de mayo del 2008, El Prado Nuevo León 28 de mayo del 2008, El Prado Galeana Nuevo León 29 de mayo del 2009.

## **Labores culturales**

### **Fertilización**

La dosis de fertilización para las localidades fue de 180-90-00 kg ha<sup>-1</sup> de nitrógeno y fosforo respectivamente, al momento de la siembra se aplicó todo el fosforo y únicamente el 50 por ciento del nitrógeno, el resto se aplicó al de realizar el primer cultivo.

### **Riegos**

El primer riego en las diferentes localidades se llevó a cabo una vez realizada la siembra, para asegurar una buena germinación de la semilla.

Posteriormente los riegos fueron variados en cada localidad de acuerdo a las condiciones climatológicas del lugar y las necesidades del cultivo.

### **Control de malezas**

En las tres localidades se aplicó un herbicida pre-emergente de nombre Primagram Gold, (su ingrediente activo es S-Metalaclor + atrazina) utilizando una dosis de  $4 \text{ l ha}^{-1}$  aplicado después del riego de siembra, posteriormente se realizó un cultivo a los 40 días de siembra.

### **Cosecha**

Esta actividad se realizó de forma manual por parcela útil, en las tres localidades para posteriormente registrar el peso de campo y el contenido de humedad de los diferentes materiales.

### **Variables agronómicas evaluadas**

**Floración masculina (FM).** Número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta cuando el 50 % de las plantas por parcela experimental presentaron anteras dehiscentes.

**Floración femenina (FF).** Número de días transcurridos desde la fecha de siembra hasta cuando el 50 % de las plantas por parcela experimental presentaron jilotes con estigmas receptivos.



**Sincronía floral (SF).** Diferencia de los días transcurridos entre la floración masculina y la femenina, en este trabajo se tomo como base a la floración masculina.

**Altura de planta (AP).** Distancia en centímetros comprendida desde el nivel del surco hasta la inserción de la hoja bandera. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

**Altura de mazorca (AM).** Distancia en centímetros comprendida desde el nivel del surco hasta el nudo donde se inserta la mazorca principal. Se midió una planta representativa por parcela experimental.

**Relación mazorca-planta (RMP).** Relación que existe entre la altura de planta y mazorca, expresada en por ciento.

$$RMP = \left( \frac{\textit{Altura de planta}}{\textit{Altura de mazorca}} \right) \times 100$$

**Calificación de planta (CP).** Se refiere a un valor asignado a la planta en base a su apariencia visual por parcela útil, en la que se considera el porte, sanidad y uniformidad de la planta. La escala asignada fue de 1 a 5 (1 muy buena y 5 muy mala).

**Calificación de mazorca (CM).** Se refiere al valor asignado a la mazorca en base a su apariencia visual por parcela útil, considerando daños causados por insectos o enfermedades, tamaño, uniformidad y llenado de grano. La escala asignada fue de 1 a 5 (1 muy buena y 5 muy mala).

**Prolificidad (PROL).** Es la cantidad de mazorcas cosechadas dividido entre el número de plantas cosechadas por parcela útil y expresada en por ciento mediante la siguiente fórmula:

$$PROL = \left( \frac{\text{No. mazorcas}}{\text{No. de plantas}} \right) \times 100$$

**Peso de campo (PC).** Es el peso total de las mazorcas cosechadas por parcela útil con la humedad existente al momento de la cosecha. Su valor se expresa en Kg.

**Por ciento de humedad (%H).** Se obtiene tomando una muestra aleatoria aproximadamente de 200 gr, de las mazorcas cosechadas por cada parcela experimental. Esta muestra se coloca en un aparato de medición *Dickie John*, el cual mide la cantidad de humedad del grano.

**Rendimiento (REND).** Para estimar el rendimiento de las mazorcas cosechadas por parcela útil en toneladas por hectárea al 15.5 % de humedad de todos los materiales, se multiplica el peso seco (PS) por el factor de conversión (FC), cuyas formulas son las siguientes:

$$PS = \frac{(100 - \%H)}{100} \times PC$$

Donde:

%H= por ciento de humedad; PC= peso de campo

$$FC = \frac{10,000}{APU \times 0.845 \times 1000}$$

Donde:

FC= factor de conversión para expresar el rendimiento en toneladas por hectárea al 15.5 por ciento de humedad; 10,000= valor correspondiente a la superficie de una hectárea en m<sup>2</sup>; APU= área de parcela útil. Es el producto de la distancia entre surcos por la distancia entre plantas por el número correcto de plantas por parcela útil; 0.845= constante para obtener el rendimiento al 15.5 por ciento de humedad; 1,000= coeficiente para obtener el rendimiento en t ha<sup>-1</sup>.

### **Rendimiento ajustado por covarianza**

Debido a que el número de plantas no fue el mismo en cada parcela experimental, se ajustaron los datos obtenidos de rendimiento mediante un análisis de covarianza, con la finalidad de determinar si el número de plantas influía en dicha variable. Una vez llevado a cabo el análisis y al realizar la prueba de F se encontró que la covariable mostraba significancia. Posteriormente se realizó el ajuste de rendimiento mediante la siguiente fórmula:

$$\hat{Y}_{ij} = Y_{ij} - b_i (X_i - \mu)$$

Donde:

$\hat{Y}_{ij}$ = se refiere al rendimiento ajustado por la covarianza;  $Y_{ij}$  = es el rendimiento sin ajuste del i-esimo tratamiento;  $b_i$  = coeficiente de regresión ajustado;  $X_i$  = es el número de plantas cosechadas por parcela;  $\mu$  = se refiere al promedio de plantas cosechadas por experimento.

Este ajuste se realiza para aquellos ensayos que demuestran efectos significativos en la expresión de rendimiento por causa de la covariable.

## **Análisis de varianza de 12 variables agronómicas**

Se realizó un análisis de varianza combinado a través de localidades considerando las 12 variables bajo evaluación, empleando el siguiente diseño estadístico:

$$Y_{ijk} = \mu + L_i + R_{j(i)} + T_k + TL_{ki} + \varepsilon_{ijk}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = valor del IS de la i-ésima localidad de la j-ésima repetición del k-ésimo genotipo;  $\mu$  = media general;  $L_i$  = efecto de la i-ésima localidad;  $R_{j(i)}$  = efecto de la j-ésima repetición dentro de la i-ésima localidad;  $T_k$  = efecto del k-ésimo genotipo;  $TL_{k(i)}$  = efecto del k-ésimo tratamiento por la i-ésima localidad;  $\varepsilon_{ijk}$  = efecto del error.

### **Grafico biplot del modelo AMMI**

Para seleccionar a los mejores genotipos es necesario realizar un IS, debido a que las variables de evaluación FM, FH, SF, AP, AM, RMP, CP, CM, PROL, AT, AR y REND mostraron diferencias significativas, pero se desconoce si se deben de considerar todas las variables o solo algunas de ellas.

Con la finalidad de conocer la relación entre las variables bajo consideración, se realizó una grafica biplot bajo el modelo AMMI, para observar la interacción híbridos por variable, y de esta manera ver que variables están correlacionadas y realizan el mismo trabajo al momento de la selección, esto con la finalidad de hacer más eficiente la selección del germoplasma mediante IS.

Ante esta situación se procedió a realizar un grafico biplot bajo el modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) el cual permitió modelar la relación que existe entre las 12 variables de interés agronómico generando una gráfica “biplot”, en la cual se observan con mayor claridad los resultados

La modificación que se hizo en este modelo fue que en lugar de considerar ambientes o localidades, se consideraron las 12 variables con la finalidad de conocer los patrones de relación que existen entre ellas, permitiendo así seleccionar las de mayor relevancia por cada grupo altamente correlacionado, es decir la interacción fue tratamientos por variable.

Empleando el modelo AMMI bajo la siguiente fórmula:

$$Y_{ij} = \mu_j + g_i + e_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  : Es la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$ ;  $\mu_j$  : Media del ambiente  $j$  para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de  $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$ ;  $g_i$  : efecto del  $i$ -ésimo genotipo;  $e_j$  : efecto del  $j$ -ésimo ambiente;  $\lambda_k$  : Es el valor propio del eje  $k$  de componentes principales;  $\gamma_{ik}$  : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ ;  $\alpha_{jk}$  : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ ;  $\varepsilon_{ij}$  : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ ,  $p$  : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI.

## Índice de selección de ponderación libre

La efectividad en el proceso de selección y su continuidad en el tiempo va a depender de las herramientas que se utilicen para conseguirlo. Anteriormente una de las características que buscaban lo mejoradores era el rendimiento, el día de hoy deben ser otras variables que son de suma importancia para que los materiales tengan un buen comportamiento.

Es por eso que en esta investigación se consideraron varios caracteres a la vez para tener una mayor respuesta en la selección del germoplasma en estudio. Tomando en cuenta lo anterior, se utilizó el método de índices de selección (IS) el cual se basa en la selección simultánea de varios caracteres, desarrollado por Barreto *et al.* (1991).

A continuación se describen la fórmula usada en la metodología desarrollada por Barreto *et al.* (1991):

$$IS = \left[ (Y_i - M_i)^2 * I_i \right] + \left[ (Y_j - M_j)^2 * I_j \right] + \dots + \left[ (Y_n - M_n)^2 * I_n \right]^{\frac{1}{2}}$$

Donde:

IS = es el índice de selección;  $Y_{i..n}$  = Es la variable en unidades Z;  $M_{i..n}$  = es la meta de selección (definida por el usuario);  $I_{i..n}$  = Es la intensidad de selección (definido por el usuario) para las características  $j_i, \dots, n$ .

Al momento de correr los datos, las unidades en que están representadas las variables deben estar estandarizadas para que estas puedan combinarse entre sí, ya que están representadas en unidades distintas (días,

Kg, ha<sup>-1</sup>, ton), por lo que se estandarizaron mediante la fórmula del valor Z que a continuación se describe:

$$Z = \frac{Y_j - \bar{Y}}{S}$$

Donde:

Z = es el valor estandarizado; Y<sub>j</sub> = es el valor para la entrada j;  $\bar{Y}$  = es el promedio de todas las entradas; S = es la desviación estándar del grupo de entradas

Continuando con la descripción de las formulas tenemos que:

**La meta de selección:** se considera como lo que el mejorador desea lograr con la selección en base a las desviaciones estándar, en el programa solo se puede tomar un valor que va desde -3 a +3 que corresponde a un 99% dentro de una distribución normal. Los valores positivos seleccionan los genotipos que se encuentran por arriba del promedio de la población (en este caso para la variable RTO), por su lado los valores negativos seleccionan los genotipos que se encuentran por debajo de la media (en este caso para las variables: FH, AM, SF y REND).

**La intensidad de selección:** mediante la intensidad le otorgamos importancia a las variables de acuerdo al interés, y esta puede ser diferente para cada variable, tomando valores que van de 0 a 10 y mientras más grande sea el valor mayor peso se le da a la variable en la selección, o en su caso si se usa un valor de cero es porque el usuario no quiere que esa variable sea considerada y por lo tanto el programa no la toma en cuenta al correr los datos.

El criterio que se tomo en este experimento, para que no hubiera sesgos en los resultados de IS, se determino utilizar los mismos valores para las intensidades de las variables en las tres localidades con sus dos repeticiones las que se definieron en base a la importancia que tiene cada variable en las localidades evaluadas.

Para Barreto (1991) el índice de selección más bajo representa que el genotipo contiene las características que él está buscando o que se acerca mucho a este. Por el contrario mientras más grande sea el valor del índice de selección, significa que el genotipo es todo lo contrario de lo que buscamos. El mejor genotipo es aquel que tiene el valor más pequeño del índice.

Para calcular los IS este se realizo por repetición y por localidad, tomando en cuenta los datos de las variables de mayor importancia en las tres localidades en estudio. Esto con el objetivo de realizar un análisis de varianza combinado y por localidad para hacer un comparativo de los datos y con base en ello determinar el siguiente pasó a seguir.

### **Análisis de varianza**

Una vez que se obtuvo el IS por repetición, con el propósito de saber cuál genotipo fue el comportamiento estadístico con base en los valores al mérito del IS a través de localidades, por localidad, y repeticiones, se realizó un análisis de varianza mediante un diseño de bloques completos al azar a través de localidades. El modelo estadístico utilizado en el análisis de varianza fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + R_{j(i)} + G_k + GA_{ik} + E_{ijk}$$



Donde:

$Y_{ijk}$  = Es la variable de respuesta;  $\mu$  = el efecto de la media general;  $A_i$  = el efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = el efecto del j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $G_k$  = es el efecto del k-ésimo genotipo;  $GA_{ik}$  = es el efecto del k-ésimo genotipo por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijk}$  = el error experimental.

### **Análisis de regresión en los sitios (SREG)**

Se utilizó la herramienta del análisis multiplicativo que se denomina SREG (análisis de regresión en los sitios), (Yan *et al.*, 2001; Crossa *et al.*, 2002) el cual genera un gráfico biplot, que permite: a) Determinar el genotipo con mejor comportamiento en un ambiente específico; b) La identificación del ambiente más apropiado para un genotipo específico; c) La comparación de cualquier par de genotipos en un ambiente; d) El mejor genotipo para cada ambiente y la diferenciación de mega-ambientes.

Este gráfico recibe esta denominación debido a que en la salida que muestra la dispersión de los datos originales los clasifica en dos tipos, unos puntos corresponden a los genotipos y otros a los ambientes. Para tener una apreciación más exacta de la estabilidad de los materiales, al Biplot de la gráfica se le hizo una modificación considerando los eigenvalores que corresponden a las coordenadas del promedio ambiental (CPA) denominado probador virtual (P).

Una vez considerando lo anterior, la nueva coordenada se tomó como base y a partir de esta se trazó una línea que pasó por el origen, ocasionando

con esto la rotación de los ejes. En base a esto se selecciono a mejores genotipos a través de los ambientes, tomando en cuenta lo propuesto por Yan y Hunt (2002) en donde se considera a los genotipos ideales como aquellos que tienen el vector más largo con respecto al componente principal, además de considerar que los mejores ambientes para discriminar son los que tienen el vector más largo y por último los genotipos más estables son los que se encuentren más cercanos al probador virtual.

El modelo estadístico SREG se describe a continuación:

$$Y_{ij} = \mu_j + \sum_{k=1}^p \lambda_k \gamma_{ik} \alpha_{jk} + \varepsilon_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  : Es la respuesta media de un genotipo  $i$  en un ambiente  $j$ ,  $\mu_j$  : Media del ambiente  $j$  para todos los genotipos y en este modelo se estima por medio de  $\hat{\mu}_j = \bar{Y}_{\bullet j}$ ,  $\lambda_k$  : Es el valor propio del eje  $k$  de componentes principales,  $\gamma_{ik}$  : Son los vectores propios unitarios genotípicos asociados a  $\lambda_k$ ,  $\alpha_{jk}$  : Son los vectores propios unitarios ambientales asociados a  $\lambda_k$ ,  $\varepsilon_{ij}$  : Error del genotipo  $i$  en el ambiente  $j$ ,  $p$  : Número de ejes de componentes principales considerados en el modelo SREG.

### **Análisis de línea por probador**

Para este estudio se utilizo el modelo de línea por probador, siguiendo el método descrito por Singh y Chaudhary (1985). Debido a que este método permite particionar a los tratamientos en sus componentes que son: línea, probador y línea por probador. En este caso se estimo la ACG de 47 líneas y 8

probadores para 4 variables de interés agronómico, las cuales fueron: FF, AM, SF y REND.

Cabe hacer mención que la información obtenida se estudio bajo la rutina SAS con el objeto de estimar la aptitud combinatoria de las líneas y probadores mediante el siguiente modelo lineal:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + R_{j(i)} + L_k + P_l + LP_{kl} + AL_{lk} + AP_{il} + ALP_{jkl} + E_{ijkl}$$

Donde:

$Y_{ijk}$  = es la variable de respuesta;  $\mu$  = el efecto de la media general;  $A_i$  = el efecto del i-ésimo ambiente;  $R_{j(i)}$  = El efecto del j-ésimo bloque dentro del i-ésimo ambiente;  $L_k$  = El efecto de la k-ésima línea;  $P_l$  = El efecto del l-ésimo probador;  $LP_{kl}$  = El efecto de la k-ésima línea por el l-ésimo probador;  $AL_{lk}$  = El efecto de la k-ésima línea por el i-ésimo ambiente;  $AP_{il}$  = El efecto de l-ésimo probador por el i-ésimo ambiente;  $ALP_{jkl}$  = El efecto de la k-ésima línea por el l-ésimo probador por el i-ésimo ambiente;  $E_{ijkl}$  = Es el error experimental

Para estimar los efectos de ACG de las líneas:

$$L_i = \frac{Xi...}{pra} - \frac{X....}{lpra}$$

Para estimar los efecto genéticos de ACG de probadores

$$P_j = \frac{X.j..}{lra} - \frac{X....}{lpra}$$

Donde:

$L_i$  = aptitud combinatoria de las líneas;  $P_j$  = aptitud combinatoria general de los probadores;  $I$  = número de líneas;  $P$  = numero de probadores;  $r$  = repeticiones;  $a$  = numero de ambientes;  $X_{i..}$  = sumatoria de la  $i$ -ésima línea;  $X_{.j..}$  = es la sumatoria del  $j$ -ésimo probador;  $X_{....}$  = es la sumatoria total.

### **Criterios de selección**

Con la finalidad de seleccionar híbridos que tengan buenas características agronómicas, las variables se integraron en un IS. Por lo tanto un material seleccionado debe poseer un buen IS (un valor bajo), además de ser estable.

La selección de líneas, y probadores se hará de acuerdo a los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) integradas en un IS. El criterio es el mismo que el anterior, dado que se seleccionaran materiales en base a un IS bajo y que muestren estabilidad.

## **IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.**

### **Análisis de varianza de 83 híbridos para 12 variables**

Se realizó un análisis de varianza para la evaluación de 83 híbridos en tres localidades con dos repeticiones cada una, tomando en cuenta 12 variables agronómicas de interés, los cuadrados medios obtenidos de dicho análisis se muestran en el Cuadro 4.1.

La fuente de variación localidad mostro diferencia significativa ( $P \leq 0.01$ ) para todas las variables evaluadas, esto puede deberse a que las localidades de evaluación no presentaron las mismas condiciones climáticas, edafológicas y de ubicación geográfica, además este resultado es de suma importancia debido a que permite conocer el comportamiento de los híbridos a través de las condiciones de cada localidad.

Con respecto a la fuente de variación bloques dentro de localidad, a excepción de prolificidad, todas las demás variables presentaron diferencia significativa ( $P \leq 0.01$ ) indicando que en cada localidad los bloques afectaron de diferente manera a las variables, lo que significa que el diseño experimental utilizado resulto eficiente al minimizar la varianza del error.

Para la fuente de variación híbridos, a excepción de acame de tallo, todas las demás variables resultaron significativas ( $P \leq 0.01$ ) este resultado puede deberse a que los materiales evaluados tienen diferente origen de germoplasma, pues

parte importante para hacer la selección más eficiente es que exista variabilidad genética, lo cual permitirá seleccionar híbridos prometedores en relación a IS.

Por otra parte se encontró diferencia significativa ( $P \leq 0.05$ ) para la fuente de variación de híbridos x localidad, solo para la variable de rendimiento, este resultado se atribuye a efectos ambientales, indicando que los híbridos cambian de orden en cada localidad lo cual significa que existe interacción genotipo ambiente, por tal motivo se buscara seleccionar aquel híbrido que tenga mejor comportamiento en ambas localidades. Esto resulta importante, según Wong *et al.* (2006) menciona que es necesario considerar no solo el genotipo y el ambiente para la selección, sino además la interacción de estos para evitar desarrollar programas específicos para cada ambiente.

Parte del mejoramiento genético que permite tomar decisiones para poder lograr nuestros objetivos es el análisis estadístico siendo este una herramienta indispensable, pues de esto depende un avance exitoso en la selección de materiales que demuestren ser productivos y competitivos, satisfaciendo así las necesidades de los productores.

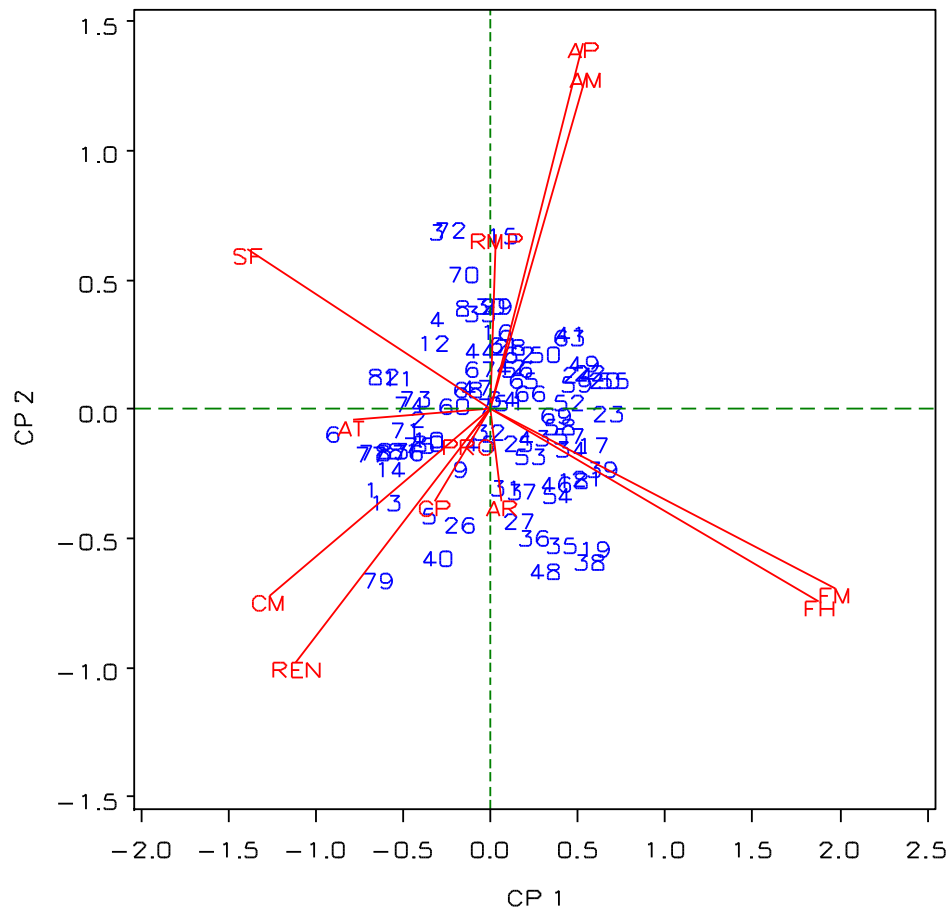
**Cuadro 4.1** Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de localidades de 83 híbridos triples para 12 variables agronómicas

		FM	FH	SF	AP	AM	RMP	CP	CM	PROL	AT	AR	REND
FV	GL	(días)	(días)	(días)	(cm)	(cm)	(%)	(1-5)	(1-5)	(%)	(%)	(%)	(t ha <sup>-1</sup> )
<b>LOCALIDADES (L)</b>	2	25808.65 **	26997.04 **	14.65 **	203561.54 **	88507.60 **	1623.79 **	105.88 **	2.91 **	4741.54 **	42.19 **	3002.00 **	1533.20 **
<b>BLOQUES/L</b>	3	152.18 **	238.29 **	12.37 **	4164.52 **	4365.54 **	381.91 **	5.79 **	2.95 **	480.63	18.75 **	7062.50 **	81.79 **
<b>HIBRIDOS (H)</b>	82	120.35 **	138.39 **	2.28 **	734.56 **	520.99 **	56.41 **	0.52 **	0.54 **	566.1 **	3.93	882.82 **	5.51 **
<b>HxL</b>	164	15.9	18.01	1.44	226.26	176.47	28.99	0.37	0.36	346.15	4.49	304.24	3.91 *
<b>ERROR</b>	246	15.9	19.96	1.42	221.66	174.78	29.51	0.32	0.33	327.58	4.71	261.69	3.08
<b>C.V</b>		4.73	5.19	-61.4	7.64	13.4	10.81	15.64	17.9	16.76	393.3	102.44	15.61
<b>MEDIA</b>		84.14	86.07	-1.93	194.82	98.6	50.22	3.62	3.22	107.94	0.55	15.79	11.24

\*, \*\*Niveles de significancia a  $P \leq 0.05$  y  $P \leq 0.01$  respectivamente. FV= fuente de variación, GL=grados de libertad, FM=floración macho (días), FH=floración hembra (días), SF=sincronía floral (días), AP=altura de planta (cm), AM=altura de mazorca (cm), RMP=relación mazorca-planta (%), CP=calificación de planta (1-5), CM=calificación de mazorca (1-5), PROL=prolificidad (%), AT=acame de tallo (%), AR=acame de raíz (%), REND=rendimiento (t ha<sup>-1</sup>), LOC=localidad, REP=repeticion, HIB=híbrido, C.V=coeficiente de variación .

## Interacción híbrido por variable a través del modelo AMMI

El modelo AMMI (efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) permitió conocer la interacción de cada una de las variables FH, SF, AP, AM, RMP, CP, CM, PROL, AT, AR y REND, con la finalidad de observar la correlación que existe entre ellas, de esta manera se tiene la certeza que al seleccionar una variable de cada grupo correlacionado por consecuencia se mejoran las demás variables del mismo grupo, permitiendo hacer más eficiente la selección del germoplasma por medio de índices de selección; los resultados de este análisis genero una gráfico “biplot”, el cual se observa en la Figura 4.1



**Figura 4.1** Biplot AMMI para observar los patrones de la interacción híbrido por variable, FM= floración de macho, FH= floración de hembra, SF= sincronía floral, AP=altura de planta, AM= altura de mazorca, CP= calificación de planta, CM= calificación de mazorca, RMP= relación mazorca planta, AT= acame de tallo, AR= acame de raíz, REND= rendimiento



En esta figura se aprecia que variables se encuentran correlacionadas, aquellas variables que se encuentran en el mismo sector y exhiban un ángulo menor a  $90^\circ$  significa que existe interacción cruzada entre ellas y realizan el mismo trabajo de selección, para lo cual se eligió solo una por cada sector; los grupos correlacionados son:

- (1) FH= floración hembra, FM= floración macho y AR=acame de raíz
- (2) AP= altura de planta, AM= altura de mazorca RMP= relación mazorca planta
- (3) SF= sincronía floral
- (4) AT= acame de tallo, PROL= prolificidad, CP= calificación de planta, CM= calificación de mazorca y REND= rendimiento.

Intentando lograr hacer más eficiente la selección por IS se tomo en cuenta sólo una variable por cada grupo correlacionado, estas fueron la variable FH, AM, SF y REND; el criterio para dicha selección se baso en el coeficiente de variación (C.V.) más bajo que mostraron las variables de cada grupo correlacionado, debido a que entre más pequeño sea el C.V. más confiabilidad tendrá la selección.

Con los valores estimados de IS por repetición se realizó un análisis de varianza con el objetivo de observar si existía diferencias significativas entre las variables seleccionadas por el modelo AMMI, de ser así se continuaría con su estudio, los resultados encontrados se concentran en el Cuadro 4.2.

La fuente de variación localidad, mostró diferencias significativas ( $P \leq 0.01$ ) este resultado se atribuye a que las condiciones de suelo, clima y

ubicación geográfica de cada localidad no son las mismas. Para la fuente de variación bloques dentro de localidad, hubo diferencia significativa ( $P \leq 0.01$ ) esto se atribuye a que entre bloques las condiciones de suelo, manejo agronómico entre otros factores no fueron homogéneas, lo cual influyo en la expresión del IS. Esto permite tener una mejor estimación del comportamiento de los materiales dentro de la misma localidad.

**Cuadro 4.2** Cuadrados medios del análisis de varianza combinado a través de localidades de 83 híbridos triples con valores de IS.

FV	GL	SC	CM	RANGO IS
LOCALIDAD (L)	2	1179.40	589.70 **	11.23 – 14.97
BLOQUE (L)	3	797.51	599.17 **	10.98 – 18.22
HIBRIDO (H)	82	1499.05	18.28 **	9.57 – 17.93
LxH	164	1125.17	6.86	
ERROR	246	1431.60	5.82	
C.V			18.58	
MEDIA			12.97908	

\*\* Nivel de significancia  $P \leq 0.01$ ; FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; SC= suma de cuadrados; CM= cuadrado medio; C.V= coeficiente de variación; RANGO IS = rango de índice de selección.

Por otra parte, se encontraron diferencia significativa ( $P \leq 0.01$ ) para la fuente de variación híbridos indicando que entre los materiales existe diversidad genética, este resultado era de esperarse debido a que provienen de la cruce de una línea con un probador. Esto resulta interesante, ya que parte importante en el presente estudio es que exista variabilidad genética entre los materiales para poder hacer selección de híbridos prometedores a través de valores de índice de selección.

Para la fuente de variación localidad por híbrido no hubo diferencias significativas en relación a los valores de índices de selección, lo cual significa

que los materiales no cambiaron de orden a través de los ambientes sino que mostraron un comportamiento estable entre estos.

### **Selección de híbridos con base en los valores de IS usando el modelo SREG**

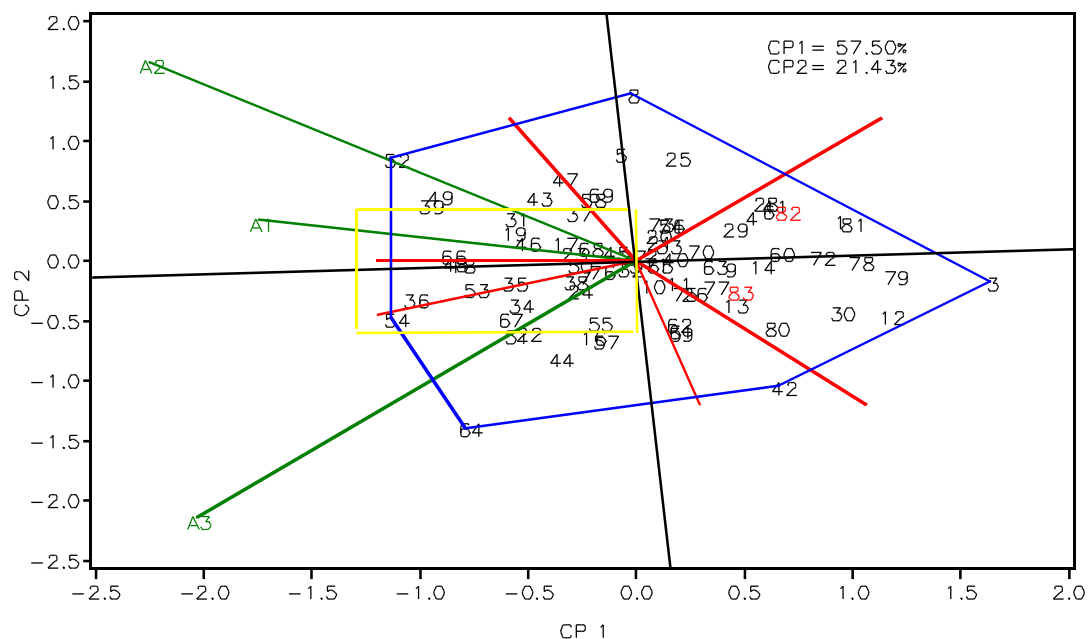
Se uso el modelo de regresión de los sitios SREG, con la finalidad de hacer selección en aquellos híbridos que muestren un valor de IS más bajo, ya que este será el mejor genotipo según Barreto *et al.* (1991) y además con la ayuda del gráfico biplot es posible observar aquel que tenga el vector más largo y más cercano al componente principal que según Yan *et al.* (2000) serán los materiales con mayor potencial y estabilidad.

En cuanto a los ambientes podemos decir que A1 y A2, El Prado N.L. 2009 y Celaya Gto. 2008 respectivamente, realizan un trabajo de selección semejante por encontrarse dentro del mismo sector, esto se atribuye a lo que menciona Yan *et al.* (2000) al referirse a los ambientes que se encuentran dentro del mismo sector tiene la característica de clasificar a los genotipos de manera similar, esto quiere decir que en un determinado momento podríamos seleccionar una de estas localidades sin perder la precisión en los resultados, lo cual tendrá como consecuencia una reducción de costos.

Con respecto al ambiente A1 y A3 que corresponden a El Prado N.L. 2008 y 2009 respectivamente, se observa que hicieron un trabajo de discriminación diferente a pesar de que corresponde a la misma localidad, este resultado se atribuye a que no todos los años son iguales en relación a temperatura, precipitación pluvial presencia de plagas y enfermedades, lo que significa que las condiciones de las localidades cambian constantemente y esto

podiera afectar en la selección de materiales, es por ello la importancia de evaluarlos durante varias años.

En la Figura 4.2, hablando específicamente de adaptabilidad podemos decir que el A1 = El Prado N.L. 2009 y A2 = Celaya Gto. 2008 el mejor material fue el 52: (CML-174 x CML-173)x(LEOPRECOZxPN-308-1)-3, para el A3 = El Prado N.L. 2008 el mejor material fue el 54: (CML-174 x CML-173)xLE-3-10 y 64: (CML-186 x 6310\*BULK-3)xLE-45-4, debido a que todos estos materiales se encuentran en el vértice del sector donde se ubica cada localidad. Coincidiendo con lo que describe Yan *et al.* (2000).



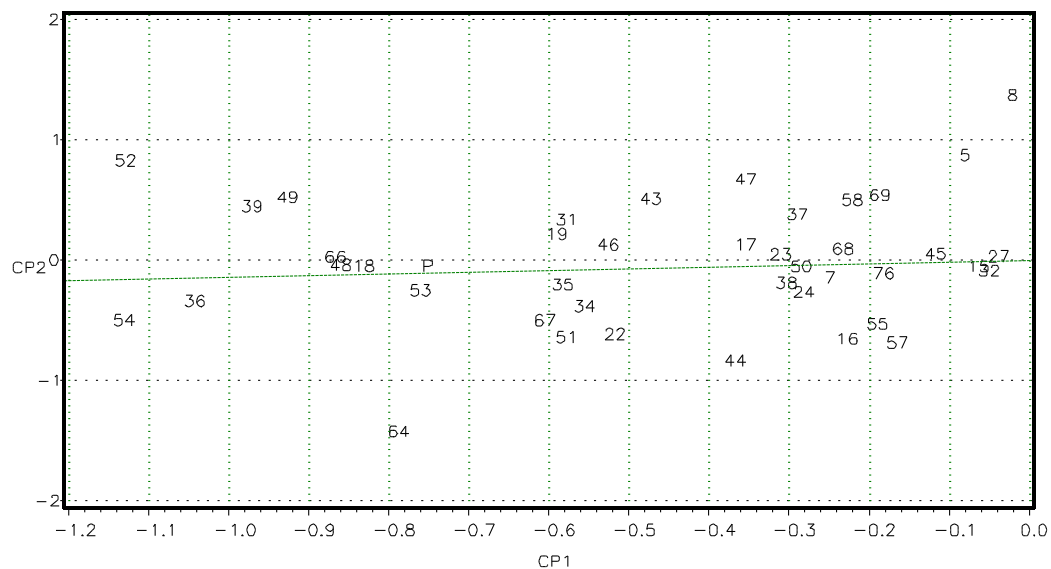
**Figura 4.2** Biplot GGE. Patrón de respuesta de IS para híbridos experimentales y testigos. CP1 y CP2= correspondiente al componente principal uno y dos; A1 = El Prado N.L. 2009; A2 = Celaya Gto. 2008; A3= El Prado N.L.2008

Para tener una mejor visión del comportamiento de los híbridos a través de las localidades se realizó una proyección del gráfico, donde podemos

apreciar los materiales con mayor estabilidad y con el mejor IS, esto se puede observar en la Figura 4.2A.

En esta proyección se observan los híbridos que mostraron valores de IS más bajo con el vector más largo y que además se encuentran más cercanos al probador virtual, ya que estos tienen los mejores atributos agronómicos y son lo más cercanos a nuestro modelo de selección, pero sobre todo muestran mayor estabilidad en los diferentes ambientes de evaluación, siendo este un factor de gran importancia en esta investigación.

Dicha proyección nos da como resultado que los mejores materiales de evaluación de esta investigación, en base a índices de selección fueron los siguientes: 52, 54, 36, 39, 49, 66, 48, 18 y 53, todos estos materiales ordenados en base al IS más bajo respectivamente, aunque cabe mencionar que no todos estos presentan la misma estabilidad.



**Figura 4.2A** Proyección de la Figura 4.1 donde se aprecia el probador virtual y los híbridos más estables.

De ellos los que muestran una mayor estabilidad son: 54, 36, 66, 48, 18 y 53 esto basado en lo que menciona Yan *et al.* (2000) que los genotipos que tienen mayor estabilidad son los que se encuentran más cerca del probador virtual.

Cabe mencionar que todos estos híbridos que se observan en la proyección superaron completamente a los testigos comerciales (AN-457 y PUMA) en más del 50%, debido a que mostraron un índice de selección mayor a lo establecido, por tal motivo no se observan en esta proyección, lo que significa que los programas de mejoramiento del IMM van por buen camino.

### **Análisis de varianza de línea por probador**

Con la intención de conocer los efectos genéticos de líneas y probadores y la interacción entre estos, se realizó un análisis de varianza de línea por probador en relación a IS, estos resultados se encuentran en el Cuadro 4.5.

**Cuadro 4.3** Cuadrados medias del análisis de varianza línea por probador con valores de IS.

FV	GL	SC	CM
LOCALIDAD (L)	2	916.63	458.32 **
BLOQUE/L	3	1759.85	586.62 **
LINEA (A)	46	621.68	13.51 **
PROBADOR (P)	7	126.30	18.04 **
(A)x(P)	27	321.83	11.92 **
(L)x(A)	92	636.55	6.92
(L)x(P)	14	118.16	8.44
(L)x(A)x(P)	54	349.36	6.47
ERROR	240	1419.91	5.91
C.V			18.80
MEDIA			12.93

\*\* Significancia  $P \leq 0.01$ ; FV= fuente de variación; GL= grados de libertad; SC= suma de cuadrados CM= cuadrado medio; C.V= coeficiente de variación.

En este cuadro se aprecia que la fuente de variación localidad, resulto estadísticamente diferente ( $P \leq 0.01$ ) este resultado es atribuido a que las localidades no presentaron las mismas condiciones de suelo y clima. Para la fuente de variación repeticiones dentro de localidades, presento diferencia significativa ( $P \leq 0.01$ ) lo que significa que las repeticiones presentaron un comportamiento distinto la una a la otra debido al manejo agronómico, lo cual quiere decir que el diseño experimental empleado en este trabajo resulto eficiente.

Por otra parte la fuente variación líneas, presento significancia ( $P \leq 0.01$ ) a la variable de respuesta a los valores de índice de selección, lo cual quiere decir que existe una gran variabilidad genética, debido a que en este trabajo se tienen líneas públicas, derivadas de híbridos comerciales y propias del programa del IMM, este resultado es de gran importancia ya que al existir variabilidad se puede identificar líneas sobresalientes para que puedan ser utilizadas como nuevos progenitores en programas de hibridación.

Con respecto a la fuente de variación probadores, mostraron diferencia significativa a los valores de índice de selección ( $P \leq 0.01$ ) esto se debe a que los probadores tienen diferente fondo genético, este resultado permite realizar selección entre estos e identificar aquellos que muestren diferente capacidad de discriminar a las líneas bajo prueba y realizar combinaciones híbridas, es por ello la importancia de utilizar varios probadores para la evaluación de líneas. Según Mendoza *et al.* (2006) atribuye al mejor probador aquel que muestre potencial para discriminar y clasificar líneas.

Para la fuente de variación línea por probador resulto significativa ( $P \leq 0.01$ ) esto puede atribuirse a efectos heteroticos que muestran al cruzarse

una línea con diferente probador, por ello el cambio de orden. Esto coincide con lo que ya se había detectado en el Cuadro 4.1 que indica que los híbridos son estadísticamente diferentes debido al origen de su cruce.

En el Cuadro 4.4 y 4.5 se presentan las líneas y probadores, respectivamente, que mostraron los efectos más deseables de ACG con relación a índices de selección ya que este será un valor extra positivo o negativo, que aporte tanto la línea como los probadores al cruzarse entre estos, debido a que no siempre son favorables los valores. Pues según Morata *et al.* (2006) menciona que la ACG está relacionada a factores genéticos de efecto aditivo, el cual se estima a partir de la cruce de líneas con probadores.

**Cuadro 4.4** Líneas que mostraron mejor ACG a través de valores estimados de índice de selección.

LUGAR	LINEA	IS ACG		GENEALOGIA
1	23	-2.59408	*	LÍNEA MEDE
2	16	-2.50074	***	LEOPRECOZ-6-2
3	24	-1.88241	***	LE-3-10
4	10	-1.67408	***	LE-45-4
5	15	-1.45408	***	LEOPRECOZ-6-1
6	19	-1.42019	***	(LEOPRECOZxPN-308-1)-3
7	11	-1.38241	***	LEOPRECOZ-5-2
8	12	-1.11658	***	LEOPRECOZ-5-4
9	13	-0.99074	***	LEOPRECOZ-5-5
10	17	-0.96185	***	LEOPRECOZ-6-6
11	27	-0.89991	***	LEOPRECOZ-8-3
12	30	-0.79074	***	(LEOPRECOZxPN-308-1)-9
13	14	-0.79074	***	LEOPRECOZ-5-6

\*líneas del programa del IMM; \*\*\*líneas derivadas de híbridos comerciales

En este cuadro se aprecian las 13 mejores líneas en orden ascendente en relación a su valor de ACG, de las cuales una pertenece al programa del



IMM y doce son derivadas de híbridos comerciales ; se muestran valores negativos debido a que se analizó con valores de IS, pues como lo menciona Barreto *et al.* (1991) se atribuirá al mejor genotipo aquel que obtenga el valor más bajo.

**Cuadro 4.5** Probadores con mejor ACG a través de valores estimados de índice de selección

LUGAR	PROBADOR	IS ACG	GENEALOGIA	
1	7	-0.97741	CML-186 x 6310*BULK-3	Normal
2	6	-0.95558	CML-174 x CML-173	Normal
3	4	-0.4455	PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A	Normal
4	5	-0.39134	PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A	Normal

En este cuadro se aprecian los mejores probadores en orden ascendente en relación al valor de ACG que originaron como resultado a los mejores híbridos experimentales de este trabajo de investigación, el cual pertenecen al grupo normal. Sin que esto implique que sean los mejores probadores en la discriminación de líneas, dado que solo se identificaron líneas y probadores considerando únicamente efectos de ACG a través de IS. Las genealogías de líneas y probadores se encuentran en el apéndice de este trabajo.

## V. CONCLUSIONES

Se seleccionaron híbridos experimentales con buenos atributos agronómicos y con potencial de estabilidad en relación a índices de selección (IS) superando a los testigos comerciales, de esta manera se cumple con los objetivos planteados en el presente trabajo de investigación. Estos híbridos fueron los siguientes: 54, 36, 66, 48, 18 y 53.

Del mismo modo se identificaron las siguientes líneas: 23, 16, 24, 10, 15, 19, 11, 12, 13, 17, 27, 30, 14 y los siguientes probadores: 7, 6, 4, 5, los cuales mostraron los mejores valores de ACG para IS.

Con respecto a los ambientes de evaluación estos no presentaron interacción cruzada, El Prado N.L. 2008, Celaya Gto. 2009 clasificaron de manera semejante a los híbridos por encontrarse en el mismo sector y presentar un ángulo menor de  $90^\circ$ , sin embargo El prado N.L. 2009 mostro mayor poder de discriminación de los materiales en cuestión

## VI. RESUMEN

El mejoramiento genético en la actualidad es una herramienta que permite mejorar el comportamiento de los cultivos elevando los niveles de calidad y producción, siendo esta la manera más económica para lograrlo. Los programas de hibridación tienen por finalidad identificar híbridos prometedores con características agronómicas deseables y alto potencial de estabilidad, satisfaciendo de esta manera las necesidades de los productores. Por tal motivo en el presente trabajo de investigación se evaluaron 81 híbridos triples experimentales, originados de la cruce de 47 líneas con 8 probadores, estos comparados con 2 testigos comerciales AN-452 y PUMA, dichos materiales fueron evaluados en 3 localidades: El Prado N.L. 2008, Celaya Gto. 2009 y El Prado N.L. 2009, durante los ciclos Primavera-Verano 2008 y 2009 respectivamente, bajo un diseño de bloques incompletos mediante un arreglo alfa-latice con 2 repeticiones por localidad. El objetivo fue seleccionar híbridos de buen comportamiento agronómico y con potencial de estabilidad a través de índices de selección (IS). Se realizó un análisis de varianza combinado considerando en un inicio 12 variables de interés agronómico FH, SF, AP, AM, RMP, CP, CM, PROL, AT, AR y REND con la finalidad de observar si los híbridos en cuestión presentaban diferencias significativas para dichas variables, una vez realizado el análisis se utilizó el modelo AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa) el cual permitió analizar los efectos de Interacción Genotipo Ambiente (IGA) de cada una de las variables clasificándola en cuatro grupos, para posteriormente seleccionar una variable por cada grupo correlacionado quedando solamente FH, AM, SF y REND, de esta manera se tiene la certeza que con la selección de una se mejora la otra característica, posteriormente se volvió a realizar otro análisis de varianza combinado para las 4 variables de cada grupo correlacionado permitiendo

observar las diferencias significativas, para después hacer uso del modelo SREG que además de considerar la IGA considero a los genotipos a través de las localidades, todo esto mediante gráficos biplot. Por otra parte se identificaron líneas y probadores con mejores efectos de ACG para IS mediante el análisis de línea x probador, todos estos análisis apoyados por el paquete estadístico denominado SAS. Los híbridos experimentales con los mejores atributos antes mencionados encontrados por este estudio fueron: 54, 36, 66, 48, 18 y 53, superando a los testigos, por otra parte se identificaron las líneas: 23, 16, 24, 10, 15, 19, 11, 12, 13, 17, 27, 30, 14 y los probadores: 7, 6, 4, 5 con las mejores efectos de ACG para IS. Estos resultados señalan que los programas de hibridación del Instituto Mexicano del Maíz (IMM) de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) van por buen camino al identificar híbridos prometedores que permitan en un determinado momento competir en el mercado.

**Palabras clave:** Híbridos, Líneas, Probadores, ACG, Índices de Selección, AMMI, SREG.

## VII. LITERATURA CITADA

- Ávila** P. M. A., S. A. Rodríguez. H., M. E. Vásquez. B., F. Borrego. E., A.J. Lozano. del R., A. López. B. 2009. Aptitud combinatoria y efectos recíprocos en líneas endogámicas de maíz de valles altos del centro de México. Agricultura Técnica en México. Vol. 35 (3): 285-293.
- Barreto** H. J., J. A. Bolaños, H. S. Córdoba. 1991. Índice de selección: guía para la operación del software. Manual de capacitación regional. Programa Regional Centroamérica y el Caribe, Apdo. Postal, Guatemala.
- Córdoba** S. H. 1992. Respuestas diferenciales para rendimiento de híbridos de maíz evaluados en ambientes contrastantes de Latinoamérica PCCMCA 1990. Agronomía Mesoamericana. Vol. 3: 1-8.
- Crossa** J., P. L. Cornelius and W. Yan. 2002. Biplots of linear – bilinear models for studying crossover genotype x environment interaction. Crop Sci. 42: 619- 633.
- Eberhart**, S. A. and W. A. Russell. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6:36-40.

**Everson**, R. E., J. C. Otoole, R. W. Herdt, W. R. Coffman and H. E. Kauffman. 1978. Risk and uncertainty as factors in crop improvement research papers The International Rice Research Institute. Manila Philippines. (Series No. 15).

**Guillen** de la C. P., E. de la Cruz, E., G. Castañón, N., R. Osorio, O., N. P. Brito, M., A. Lozano, del R., U. López, N. 2009. Aptitud combinatoria general y específica de germoplasma tropical de maíz. Tropical and Subtropical Agroecosystems. Vol. 10, (1): 101-107.

**Gordon** M. R., I. Camargo, B., J. Franco, B., A. González, S. 2006. Evaluación de la adaptabilidad y estabilidad de 14 híbridos de maíz, Azuero Panamá. Agronomía Mesoamericana. Vol. 17 (2): 189-199.

**Ibáñez** M. A., M.M. Cavanagh., N.C. Bonamico., M.A. di Renzo. 2006. Análisis gráfico mediante biplot del comportamiento de híbridos de maíz. Revista de Investigaciones Agropecuarias. Vol. 35 (3): 83-93.

**Laing**, D. R. 1978. Adaptabilidad y estabilidad en el comportamiento de plantas de frijol común. Reunión de Discusión sobre viveros Internacionales de Rendimiento y Adaptación del frijol. CIAT. Cali. Colombia. (Mecanografiado).

**Márquez** S.F. (1998). Genotécnia Vegetal. Tomo II. Modelos, Teoría y Resultados. AGT Editor. México D.F. 665p.

- Morales** R. M. M., J. Ron P., J. J. Sánchez., G., J. L. Ramírez, D., De la Cruz, L., S. Mena, Munguía., S. Hurtado, P. y M. Chuela, B. 2005. Diversidad y heterosis entre híbridos comerciales de maíz de Jalisco liberados en la década de 1990. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 28 (2) 115-126.
- Morata** M. M., D. A. Presello., M. P. González & E. Frutos. 2006. Aptitud combinatoria para rendimiento entre líneas de maíz derivadas de nuevas fuentes de resistencia al Mal del Rio Cuarto. *Rev. Fac. Agron.* Vol. 106 (1): 69-83.
- Paliwal**, R.L. 1986. CIMMYT's expanded maize improvement program. *In* R.N. Wedderburn & C. De Leon, eds. *Proc. 2nd Asian Reg. Maize Workshop*, Indonesia, p. 125-140. Mexico, DF, CIMMYT.
- Paterniani**, E. 1990. Maize breeding in the tropics. *Crit. Rev. Plant Sci.*, 9: 125-154.
- Restrepo** G., Pizarro E. J., Quijano J. H. 2008. Índices de selección y niveles independientes de descarte para características productivas y reproductivas en un hato holstein (*Bos taurus*). *Rev. Colomb Cienc Pecu.* Vol. 21: 239-250.
- Reyes** L. D., J.D. Molina, G., M. A. Oropesa, R., E. del C. Moreno, P. 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza tuxpeño. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 27 (1): 49-56.

- Rodríguez** P. J. E., J. Sahagún, C., H. E. Villaseñor, M., J. D. Molina, G., A. Martínez, G. 2005. La interacción genotipo x ambiente en la caracterización de aéreas temporales de producción de trigo. *Agrociencia*. Vol. 39 (1): 51-64.
- Sierra** M., F. Márquez., R. Valdivia., O. Cano., F. A. Rodríguez. 2000. Aptitud combinatoria general y específica de líneas tropicales de maíz usando probadores. *Agronomía Mesoamericana*. Vol. 11 (1): 103-112.
- Singh** R. K., Chaudhary B. D., 1977. *Biometrical methods in quantitative genetics analysis*. Kaylani Publisher. New Delhi, Ludhiana.
- Vergara** A. N., S.A. Rodríguez, H., H. S. Córdova, O. 2005. Aptitud combinatoria general y específica de líneas de maíz (*Zea mays*) tropical y subtropical. *Agronomía Mesoamericana*. Vol. 16 (2): 137-143.
- Williams** A. H., V. Pecina, Q., F. Zavala, G., N. Montes, G., A. J. Gómez, V., G. Arcos, C., M. A. García, G., S. Montes, H., L. Alcalá, S. 2010. Modelo de Finlay y Wilkinson vs el modelo AMMI para analizar la interacción genotipo-ambiente en sorgo. *Rev. Fitotec. Méx.* Vol. 33 (2): 117-123
- Wong** R. R., E. Gutiérrez del Río., S. A. Rodríguez, H., A. Palomo G. H. Córdova O., A. Espinosa B. 2006. Aptitud combinatoria y parámetros genéticos de maíz para forraje en la comarca lagunera. *Universidad y ciencia*. Vol. 22, núm. 002 pp. 141-151.



**Yan W.**, Hunt L. A., Sheng Q. and Szlavnic Z. 2000. Cultivar evaluation and mega-environment investigation based on the GGE biplot. *Crop Sci.*, 40: 596-605.

**Yan, W. 2001.** GGE Biplot-Una aplicación de Windows para el análisis gráfico de múltiples datos de los ensayos del medio ambiente y otros tipos de datos en ambos sentidos. *Agro. J.* 93:1111-1118.

**Yan, W. and L. A. Hunt. 2002.** Biplot analysis of diallel data. *Crop sci.*42: 21-30.

**Yáñez C. L. F. 2005.** Índices de selección: Sugerencias para su utilización. En *Manual de Ganadería Doble Propósito. Universidad Nacional Experimental Sur del Lago.* Pp. 106-110.

**Zobel R. W., Wright, M. J., Gauch Junior, H. G. 1988.** Statistical analysis of a yield trial. *Agronomy Journal.* Vol. 80: 388-393.

## VIII. APÉNDICE

**Cuadro A1. Genealogía de los híbridos experimentales y testigos**

HIBRIDO	GENEALOGIA
1	(MLS4-1xPE-115-3)xV524-4119HC-211-2-2
2	(MLS4-1xPE-115-3)x(6310*BULK-11x6310*BULK-12)-A-4
3	(MLS4-1xPE-115-3)xCML-11-5
4	(MLS4-1xPE-115-3)xCML-150-A-2
5	(MLS4-1xPE-115-3)xCML-150-A-6
6	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A)x(6310*BULK-11x6310*BULK-12)-A-4
7	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A)xCML-11-5
8	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A)xCML-150-A-2
9	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A)xV524-4119HC-183-2-1
10	(MLS4-1x232-10-11-1-A-A)xCML-150-A-11
11	(18-19-60-A-A x PE-115-3)x(6310*BULK-11x6310*BULK-12)-A-4
12	(18-19-60-A-A x PE-115-3)xCML-11-5
13	(18-19-60-A-A x PE-115-3)xCML-150-A-11
14	(18-19-60-A-A x PE-115-3)xCML-150-1-2
15	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLE-4-1
16	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLE-45-4
17	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-2
18	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-4
19	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-5
20	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-6
21	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-6-1
22	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-6-2
23	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-6-6
24	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-11-6
25	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)x(LLEOPRECOZxPN-308-1)-3
26	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xM15
27	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)x(PN-304-2xPN-305-2)-1-A-7-1-A
28	(PN-311-2 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)x
29	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xCML-150-1-2
30	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLE-4-1
31	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLE-45-4
32	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-4
33	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-5
34	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-5-6
35	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-6-1
36	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-6-2
37	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xM15
38	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)x(PN-304-2xPN-305-2)-1-A-7-1-A
39	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLÍNEA MEDE
40	(PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLE-3-10

41 (PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xLEOPRECOZ-4-1  
42 (PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)xPN-305-2-A-2-5-A  
43 (CML-174 x CML-173)xLE-4-1  
63 (CML-174 x CML-173)xPN-316-1-1-A  
44 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-5-2  
45 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-5-4  
46 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-5-5  
47 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-5-6  
48 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-6-1  
49 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-6-2  
50 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-6-6  
51 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-11-6  
52 (CML-174 x CML-173)x(LGOPRECOZxPN-308-1)-3  
53 (CML-174 x CML-173)xLÍNEA MEDE  
54 (CML-174 x CML-173)xLE-3-10  
55 (CML-174 x CML-173)xLEOPRECOZ-8-3  
56 (CML-174 x CML-173)x(LGOPRECOZxPN-308-1)-2  
57 (CML-174 x CML-173)x(LGOPRECOZxPN-308-1)-5  
58 (CML-174 x CML-173)x(LGOPRECOZxPN-308-1)-9  
59 (CML-174 x CML-173)x(LGOPRECOZxPN-308-1)-12  
60 (CML-174 x CML-173)xPN-305-2-A-3-2-A  
61 (CML-174 x CML-173)xPN-311-2-A-2-5-A  
62 (CML-174 x CML-173)xPN-311-2-A-3-6-A  
70 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xBx  
64 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xLE-45-4  
65 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xM15  
66 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xLE-3-10  
67 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xPN-305-2-A-2-5-A  
68 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xCML-312-A-2  
69 (CML-186 x 6310\*BULK-3)xCML-312-A-4  
71 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xCML-150-A-11  
72 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xCML-150-1-3  
73 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xCML-312-A-2  
74 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)x255-18-19N-14-1-A-4-2-A-3  
75 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-114-2-2  
76 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-114-2-5  
77 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-114-2-6  
78 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-114-3-A-A-5-1-3  
79 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-115-3-3-2-1  
80 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-212-1-9  
81 (351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2)xPE-212-1-12  
82 AN-452  
83 PUMA

---

## Cuadro A2. Genealogía de líneas

LÍNEA	GENEALOGIA	LÍNEA	GENEAÑOGIA
1	* V524-4119HC-211-2-2	25	*** LEOPRECOZ-4-1
2	** (6310*BULK-11x6310*BULK-12)-A-4	26	* PN-305-2-A-2-5-A
3	** CML-11-5	27	*** LEOPRECOZ-8-3
4	** CML-150-A-2	28	*** (LEOPRECOZxPN-308-1)-2
5	** CML-150-A-6	29	*** (LEOPRECOZxPN-308-1)-5
6	** V524-4119HC-183-2-1	30	*** (LEOPRECOZxPN-308-1)-9
7	** CML-150-A-11	31	*** (LEOPRECOZxPN-308-1)-12
8	** CML-150-1-2	32	* PN-305-2-A-3-2-A
9	*** LE-4-1	33	* PN-311-2-A-2-5-A
10	*** LE-45-4	34	* PN-311-2-A-3-6-A
11	*** LEOPRECOZ-5-2	35	* PN-305-2-A-2-5-A
12	*** LEOPRECOZ-5-4	36	** CML-312-A-2
13	*** LEOPRECOZ-5-5	37	** CML-312-A-4
14	*** LEOPRECOZ-5-6	38	** CML-150-1-3
15	*** LEOPRECOZ-6-1	39	** CML-312-A-2
16	*** LEOPRECOZ-6-2	40	* 255-18-19N-14-1-A-4-2-A-3
17	*** LEOPRECOZ-6-6	41	* (43-46-2-3-2xPE-114-2)-2
18	*** LEOPRECOZ-11-6	42	* PE-114-2-5
19	*** (LEOPRECOZxPN-308-1)-3	43	* PE-114-2-6
20	* M15	44	* PE-114-3-A-A-5-1-3
21	* (PN-304-2xPN-305-2)-1-A-7-1-A	45	* PE-115-3-3-2-1
22	* 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A)x	46	* PE-212-1-9
23	* LÍNEA MEDE	47	* PE-212-1-12
24	*** LE-3-10		

\*Propias del programa; \*\*Publicas; \*\*\*Derivadas de híbridos comerciales

## Cuadro A3. Genealogía de probadores

PROBADOR	GENEALOGIA	
1	MLS4-1xPE-115-3	Enano
2	MLS4-1x232-10-11-1-A-A	Enano
3	18-19-60-A-A x PE-115-3	Enano
4	PN-311-2	Normal
5	PN-301-4 x 53-36-37-N-10-2-A-1-1-A	Normal
6	CML-174 x CML-173	Normal
7	CML-186 x 6310*BULK-3	Normal
8	351-296-1-6-A x 43-46-2-3-2	Normal

**Cuadro A4.** Prueba de medias Tukey de híbridos según índices de selección.

HIB	MEDIA	AGRUPAMIENTO TUKEY							HIB	MEDIA	AGRUPAMIENTO TUKEY							
52	9.57	A							2	13.09	A	B	C	D	E	F	G	
54	9.73	A	B						71	13.15	A	B	C	D	E	F	G	
36	9.85	A	B	C					21	13.22	A	B	C	D	E	F	G	
39	10.10	A	B	C	D				40	13.24	A	B	C	D	E	F	G	
49	10.24	A	B	C	D				65	13.27	A	B	C	D	E	F	G	
66	10.33	A	B	C	D				73	13.27	A	B	C	D	E	F	G	
48	10.35	A	B	C	D				33	13.29	A	B	C	D	E	F	G	
18	10.55	A	B	C	D	E			62	13.29	A	B	C	D	E	F	G	
64	10.62	A	B	C	D	E			74	13.33	A	B	C	D	E	F	G	
53	10.67	A	B	C	D	E	F		75	13.45	A	B	C	D	E	F	G	
51	11.10	A	B	C	D	E	F		59	13.46	A	B	C	D	E	F	G	
35	11.11	A	B	C	D	E	F		61	13.47	A	B	C	D	E	F	G	
31	11.16	A	B	C	D	E	F		20	13.49	A	B	C	D	E	F	G	
19	11.16	A	B	C	D	E	F		56	13.49	A	B	C	D	E	F	G	
67	11.21	A	B	C	D	E	F		25	13.62	A	B	C	D	E	F	G	
34	11.26	A	B	C	D	E	F		11	13.73	A	B	C	D	E	F	G	
22	11.34	A	B	C	D	E	F		26	13.79	A	B	C	D	E	F	G	
43	11.45	A	B	C	D	E	F		70	13.79	A	B	C	D	E	F	G	
46	11.61	A	B	C	D	E	F		77	14.00	A	B	C	D	E	F	G	
44	11.82	A	B	C	D	E	F		63	14.05	A	B	C	D	E	F	G	
47	11.85	A	B	C	D	E	F		9	14.15	A	B	C	D	E	F	G	
17	11.91	A	B	C	D	E	F		13	14.29	A	B	C	D	E	F	G	
24	11.95	A	B	C	D	E	F		29	14.33	A	B	C	D	E	F	G	
38	11.98	A	B	C	D	E	F	G	83	14.43	A	B	C	D	E	F	G	
23	12.01	A	B	C	D	E	F	G	4	14.50	A	B	C	D	E	F	G	
16	12.15	A	B	C	D	E	F	G	41	14.61	A	B	C	D	E	F	G	
50	12.15	A	B	C	D	E	F	G	14	14.61	A	B	C	D	E	F	G	
55	12.19	A	B	C	D	E	F	G	42	14.67	A	B	C	D	E	F	G	
58	12.19	A	B	C	D	E	F	G	28	14.70	A	B	C	D	E	F	G	
37	12.23	A	B	C	D	E	F	G	60	14.75	A	B	C	D	E	F	G	
7	12.27	A	B	C	D	E	F	G	6	14.93	A	B	C	D	E	F	G	
57	12.38	A	B	C	D	E	F	G	80	14.97	A	B	C	D	E	F	G	
68	12.38	A	B	C	D	E	F	G	82	15.15	A	B	C	D	E	F	G	
69	12.43	A	B	C	D	E	F	G	72	15.55		B	C	D	E	F	G	
76	12.55	A	B	C	D	E	F	G	30	15.71			C	D	E	F	G	
15	12.69	A	B	C	D	E	F	G	1	15.84				D	E	F	G	
45	12.69	A	B	C	D	E	F	G	81	15.94					D	E	F	G
32	12.72	A	B	C	D	E	F	G	78	16.04					D	E	F	G
5	12.83	A	B	C	D	E	F	G	79	16.47						E	F	G
27	12.90	A	B	C	D	E	F	G	12	16.61							F	G
8	12.98	A	B	C	D	E	F	G	3	17.93								G
10	13.00	A	B	C	D	E	F	G										

**Cuadro A5.** Metas e intensidades utilizadas para la estimación del IS en cada variable de la evaluación realizada

VAR	L1				L2				L3			
	R1		R2		R1		R2		R1		R2	
	M	I	M	I	M	I	M	I	M	I	M	I
FH	-1.57	7	-1.6	7	-1.53	7	-1.46	7	-2.5	7	-2.01	7
SF	1.78	2	1.91	2	3	2	0.94	2	2.13	2	2.3	2
AM	-1.62	8	-2.38	8	-1.97	8	-2.29	8	-1.8	8	-1.88	8
REND	2.41	10	2.08	10	3	10	2.7	10	3	10	2.29	10

VAR = variable; L1, L2 y L3 = localidad 1, 2 y 3; R1 y R2 = repetición 1 y 2; M = meta; I = intensidad; FH = floración hembra; SF = sincronía floral; AM; altura de mazorca; REND = rendimiento

**Cuadro A6.** Valores de índices de selección por híbrido.

HIB	INDICE	HIB	INDICE	HIB	INDICE	HIB	INDICE
1	15.84	22	11.34	43	11.45	64	10.62
2	13.09	23	12.01	44	11.82	65	13.27
3	17.93	24	11.95	45	12.69	66	10.33
4	14.50	25	13.62	46	11.61	67	11.21
5	12.83	26	13.79	47	11.85	68	12.38
6	14.93	27	12.90	48	10.35	69	12.43
7	12.27	28	14.70	49	10.24	70	13.79
8	12.98	29	14.33	50	12.15	71	13.15
9	14.15	30	15.71	51	11.10	72	15.55
10	13.00	31	11.16	52	9.57	73	13.27
11	13.73	32	12.72	53	10.67	74	13.33
12	16.61	33	13.29	54	9.73	75	13.45
13	14.29	34	11.26	55	12.19	76	12.55
14	14.61	35	11.11	56	13.49	77	14.00
15	12.69	36	9.85	57	12.38	78	16.04
16	12.15	37	12.23	58	12.19	79	16.47
17	11.91	38	11.98	59	13.46	80	14.97
18	10.55	39	10.10	60	14.75	81	15.94
19	11.16	40	13.24	61	13.47	82	15.15
20	13.49	41	14.61	62	13.29	83	14.43
21	13.22	42	14.67	63	14.05		